

EXHIBIT B: CLUSTAL W (1.7) MULTIPLE SEQUENCE ALIGNMENTS OF HUMAN MITOCHONDRIAL PROTEINS

Sequence format is Pearson

Sequence 1: HRM-19 (SEQ ID NO:19) 351 aa

Sequence 2: CGI-69 (AF151827_1) 351 aa

Sequence 3: CGI-69 L, mitochondrial carrier protein CGI-69 long form (AAG60687.1) 359 aa

Sequence 4: OGC, 2-oxoglutarate carrier protein (AAC28637.1) 314 aa

Pairwise alignments

Sequences (1:2) Aligned. Score: 99

Sequences (1:3) Aligned. Score: 99

Sequences (1:4) Aligned. Score: 21

Sequences (2:3) Aligned. Score: 99

Sequences (2:4) Aligned. Score: 21

Sequences (3:4) Aligned. Score: 19

CLUSTAL W (1.7) multiple sequence alignment

```

HRM-19      MADQDPAGISPLQOMVASCTGAVVTSLFMTFLDVVKVRLQSQRPSMASELMPSSRLWSLS
CGI-69 L    MADQDPAGISPLQOMVASGTGAVVTSLFMTFLDVVKVRLQSQRPSMASELMPSSRLWSLS
CGI-69      MADQDPAGISPLQOMVASGTGAVVTSLFMTFLDVVKVRLQSQRPSMASELMPSSRLWSLS
OGC         -----MAATASAGAGGID-----G-----KP-RTS---PKSVKFLFG
          :  . : : * : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : : :
HRM-19      YTKW-----KCLLYCNGVLEPLLYLCPNGARCATWFQDPTRFTGTMDAFVKIVRHEGT
CGI-69 L    YTKLPSSLQSTGKCLLYCNGVLEPLLYLCPNGARCATWFQDPTRFTGTMDAFVKIVRHEGT
CGI-69      YTKW-----KCLLYCNGVLEPLLYLCPNGARCATWFQDPTRFTGTMDAFVKIVRHEGT
OGC         GLAG-----MGATVFVQPLDLVKNNRMQLSGEGAKTREYKTSFHALTSILKAEG
          :  . . . : : * * * : : : : . . . : : * : : : : : : : : : :
HRM-19      RTLWSGLPATLVMTVPATAIYFTAYDQLKAFLCGRALTS--DLYAPMVACALARLCTVTVI
CGI-69 L    RTLWSGLPATLVMTVPATAIYFTAYDQLKAFLCGRALTS-DIYAPMVAGALARLGTVTVI
CGI-69      RTLWSGLPATLVMTVPATAIYFTAYDQLKAFLCGRALTS-DLYAPMVAGALARJGTVTVI
OGC         RGIYTGLSAGLLRQATYTTTTLRLGIYTVLFERLTGADGTFPGFLLKAVICMTACATCAFG
          * : : : * * * : : . . : : * * * : : * * * : : * * * : : *
HRM-19      SPLELMRTKLQA-----QHVSYSR-ELGACVRTAVAQGGWRSWLWLCWCPTALRDVPFSA
CGI-69 L    SPLELMRTKLQA-----QHVSYSR-ELGACVRTAVAQGGWRSWLWLCWCPTALRDVPFSA
CGI-69      SPLELMRTKLQA-----QHVSYSR-ELGACVRTAVAQGGWRSWLWLCWCPTALRDVPFSA
OGC         TPAEVALIRMTADGRLPADQRRGYKNVFNALIRITREEG-VLTTLWRGCIPTMARAVVVNA
          : * * : : : * : : : : : : : : : : : : : : * * * * * * * *
HRM-19      LYWFNYELVKSWNLNGLRPKDQTSVGMSEFVAGGISGTVAAVITLPFDVVKTORQVALGAME
CGI-69 L    LYWFNYELVKSWNLNGLRPKDQTSVGMSEFVAGGISGTVAAVITLPFDVVKTORQVALGAME
CGI-69      LYWFNYELVKSWNLNGLRPKDQTSVGMSEFVAGGISGTVAAVITLPFDVVKTORQVALGAME
OGC         AQLASYSQSKQFLDLSGYFS-DNLLCHFCASMISGLVTTAASMPVDIAKTRIGN---MR
          . . . * : : * . . . : : * * * * : : : : : * : : * : : *
HRM-19      AVRVNPLHVDSTWLLLRIRAESGKGLFAGFLPRIIKAAPSCAIMISTYEFGKSFFQRL
CGI-69 L    AVRVNPLHVDSTWLLLRIRAESGKGLFAGFLPRIIKAAPSCAIMISTYEFGKSFFQRL
CGI-69      AVRVNPLHVDSTWLLLRIRAESGKGLFAGFLPRIIKAAPSCAIMISTYEFGKSFFQRL
OGC         MIDGKPEYKNGLDVLFKVRYE-GFFSLWKGFTPYYARLGPHTVLTFLFLEQMKNKAYKRL
          : : * : : . : : : : * * * : : * * * : : * : : : : * : : : :
HRM-19      NQDRLLGG
CGI-69 L    NQDRLLGG
CGI-69      NQDRLLGG
OGC         ----FLSG
          : * *

```

09/840,787